

黄海和东海小黄鱼遗传多样性的 RAPD 分析

蒙子宁^{1,2} 庄志猛^{1*} 金显仕¹ 唐启升¹ 苏永全²

1 (农业部海洋渔业资源可持续利用重点开放实验室, 黄海水产研究所, 青岛 266071)

2 (厦门大学海洋系, 厦门 361005)

摘要: 小黄鱼 (*Pseudosciaena polyactis*) 是我国近海重要经济鱼类之一。本文分析了采自黄海和东海 5 个海区共计 48 个个体小黄鱼的随机扩增 DNA 多态性 (RAPD)。从 40 个 10 bp 引物中选取 20 个用于群体遗传多样性分析, 共检测出 145 个位点, 其中 132 个 (91.03%) 显多态性。用 Shannon 多样性指数量化的平均遗传多态度为 1.93 (1.50 ~ 2.44), 群体内和群体间的遗传变异比例分别为 69% 和 31%; 群体间的平均遗传相似度和遗传距离分别为 0.9139 和 0.0861。用非加权配对算数平均法 (UPGMA) 聚类分析的结果表明, 所分析的 5 个群体可分为 3 个地理群系, 从分子水平上支持了过去有关学者把黄海和东海的小黄鱼划分为北、中、南 3 个地理群系的观点。

关键词: 小黄鱼, 遗传变异, 地理群系, RAPD

中图分类号: Q347, Q16

文献标识码: A

文章编号: 1005 - 0094(2003)03 - 0197 - 07

Genetic diversity in small yellow croaker (*Pseudosciaena polyactis*) by RAPD analysis

MENG Zi-Ning^{1,2}, ZHUANG Zhi-Meng^{1*}, JIN Xian-Shi¹, TANG Qi-Sheng¹, SU Yong-Quan²

1 Key Lab for Sustainable Utilization of Marine Fishery Resources, Ministry of Agriculture; Yellow Sea Fisheries Research Institute, Qingdao 266071

2 Department of Oceanography, Xiamen University, Xiamen 361005

Abstract: *Pseudosciaena polyactis* is a commercially important fish species which is widely distributed in the Bohai Sea, the Yellow Sea and the northern part of the East China Sea. Forty-eight individuals of *P. polyactis* from five sampling areas in the Yellow Sea and the East China Sea were analyzed by random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers to determine the genetic variation among and within the stocks. A total of 145 loci were amplified using 20 random primers, of which 132 loci (91.03%) were polymorphic. Genetic diversity quantified by Shannon index varied from 1.50 to 2.44 with an average of 1.93. Partition of genetic variation indicated that 69% was distributed within stocks and 31% among stocks. The average genetic similarity and genetic distance were 0.9139 and 0.0861, respectively. Cluster analysis by UPGMA indicated that these five stocks might be divided into three groups. Results of RAPD analysis suggested extensive genetic diversity exists in this species and the genetic divergence among stocks is relatively high. The UPGMA dendrogram showed that there existed three geographic populations of *P. polyactis* in the Yellow Sea and the East China Sea, which supports previous conclusions based on morphological and ecological methods.

Key words: *Pseudosciaena polyactis*, genetic variation, geographic population, RAPD

小黄鱼 (*Pseudosciaena polyactis*) 为广泛分布于渤海、黄海和东海北部 (26°00' N 以北) 的暖温性底层鱼类, 是我国重要的海洋渔业经济种类。在小黄

鱼渔业盛期 (20 世纪 50 年代), 年平均渔获量高达 12.8 万吨, 曾被誉为我国“四大渔业”之一。20 世纪 60~80 年代期间, 由于捕捞强度的不断增大, 小黄

* 基金项目: 国家重点基础研究专项资助项目 (G19990437)

收稿日期: 2002 - 12 - 02; 接受日期: 2003 - 01 - 22

作者简介: 蒙子宁, 男, 1975 年出生, 博士研究生, 主要研究方向为海洋生物生态遗传学。

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: Zhuangzm@ysfri.ac.cn

鱼资源逐渐趋于衰退甚至枯竭。为了恢复小黄鱼渔业资源,我国政府及有关部门采取了诸如产卵场全面禁渔以及实施伏季休渔制度等一系列保护措施。进入 90 年代,小黄鱼资源呈逐年恢复之势,但其群体仍然表现出小型化、低龄化与性成熟加快等特征(金显仕,1996)。可见小黄鱼的资源基础还相当脆弱。

迄今,有关小黄鱼的研究大多集中在渔业生物学方面(金显仕,1996;邓景耀,赵传纲,1991),涉及遗传多样性的研究尚未见报道。众所周知,遗传变异是有机体适应环境变化的必要条件(Conrad, 1983),一些水产强国和国际组织自 20 世纪 80 年代初就致力于研究渔业生物的群体遗传结构,并倡导渔业资源开发和管理应被赋予遗传多样性保护的内涵(FAO/UNEP,1981;Ryman & Utter, 1987)。群体遗传学对于渔业管理的意义还在于它能以一种与群体进化相关的方式定义群体概念(Ihssen *et al.*, 1981; Carvalho & Hauser, 1994)。可见,无论对于小黄鱼的资源保护还是群体划分,研究其遗传背景都非常重要。

随机扩增多态 DNA (RAPD) 技术(Williams *et al.*, 1990; Welsh & McClelland, 1990) 具有快速、灵敏、简便等特点,已被广泛应用于遗传多样性检测以及品系鉴定等方面(Dinesh *et al.*, 1993; Bardakci & Skibinski, 1994; Bielawski & Pumo, 1997)。本文采用 RAPD 技术对我国黄、东海小黄鱼的遗传多样性进行分析,研究了其遗传背景,并从基因组 DNA 变异水平上探讨小黄鱼的群体划分,以期小黄鱼的资源保护和管理提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材料来源

小黄鱼样本(表 1)系 2001 年 3~4 月间黄海水产研究所“北斗号”调查船在执行黄、东海渔业资源试捕调查时采集于黄海和东海的 5 个海区(A、B、C、D、E)(图 1)。起网后,从渔获物中分检出小黄鱼于 -30 速冻,返航后用干冰保存运回实验室,转入 -80 超低温冰柜备用。

1.2 DNA 提取和 PCR 扩增

基因组 DNA 的提取参照 Sambroo *et al.* (1989) 的方法。PCR 反应总体积为 25 μ L, 包括: 10 \times PCR Buffer 2.5 μ L、25 mM MgCl₂ 1.5 μ L、2.5 mM dNTP 1 μ L、5 μ M 引物(上海生工) 1 μ L、5 U Taq DNA 聚合酶(Promega Biotec.) 0.2 μ L, 以及 10 ng/ μ L 基因组 DNA 2 μ L, 其余用灭菌双蒸水补足。反应在 PE9600 扩增仪上经 95 预变性 5 min 后经过 45 个循环,每个循环包括 94 1 min, 36 1 min, 72 2 min, 最后 72 延伸 10 min。RAPD 产物用含有溴化乙锭的 1.5% 琼脂糖凝胶电泳分离,于 Bio-RAD Gel Doc 1000 自动成像仪上观察并打印电泳图谱。

1.3 数据分析

电泳图谱中的每一条带记为一个位点,只记录那些电泳后可辨认的条带,当某一扩增带出现时记为 1,缺失则记为 0,从而建立原始谱带矩阵,并据此统计位点总数、多态位点数和每个多态位点在群体中的分布频率。

表 1 小黄鱼的样本来源、采样量及其生物学特征(2001 年)

Table 1 Origins, sample size and biological characteristics of *Pseudosciaena polyactis* stocks (2001)

群体 Stock	采样地点 Location	采样时间 Date	采样量(尾) Sample size	体长范围(mm) Body length range	平均体长(mm) Average length	体重范围(g) Body weight range	平均体重(g) Average weight
A	36°00' N, 123°25' E	3月27日 March 27	10	111~197	145.5	20~120	48.3
B	33°30' N, 123°45' E	4月4日 April 4	6	105~170	125.2	21~78	33.7
C	33°00' N, 124°30' E	4月2日 April 2	8	116~150	130.6	23~54	32.6
D	32°00' N, 122°30' E	4月7日 April 7	15	110~143	121.6	19~44	28.1
E	30°00' N, 122°50' E	4月19日 April 19	9	137~181	161.9	42~96	69.8

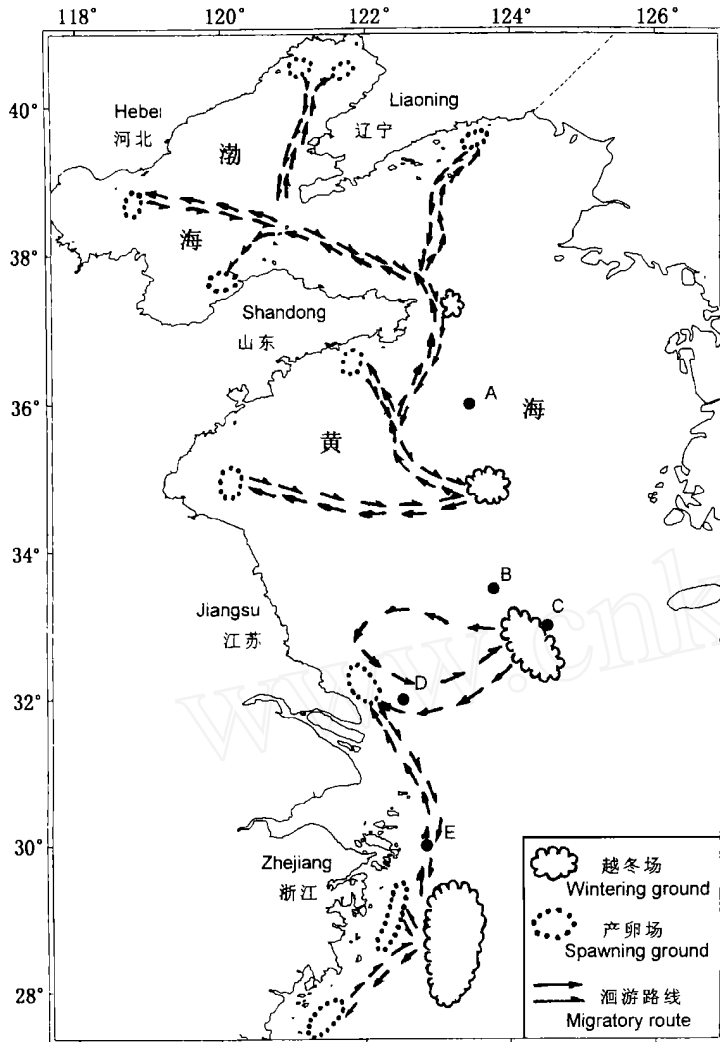


图1 小黄鱼采样地点(A~E点)分布和洄游路线(箭头线)
 Fig.1 Map of sampling locations (A~E) and migratory route of *Pseudosciaena polyactis* (arrow line)

群体的多态位点百分率 $P = \frac{\text{该群体的多态位点数}}{\text{位点总数}} \times 100\%$ 。

参考 Wachira *et al.* (1995) 的公式, 用 Shannon 多样性指数来计算各群体的遗传多态度 H_0 , 平均群体内的遗传多态度 H_{pop} , 以及所研究的种类 n 个群体的遗传多态度总量 H_{sp} , 计算公式如下:

$H_0 = - \sum X_i \ln X_i$ (X_i 为位点 i 在某一群体中的出现频率);

$H_{pop} = H_0 / n$ (n 为所研究的群体数);

$H_{sp} = - \sum X(X$ 为 n 个群体的综合表型频率);

以 H_{pop} / H_{sp} 和 $(H_{sp} - H_{pop}) / H_{sp}$ 分别计算和比较遗传多态度在群体内和群体间的分布。利用 POPGENE1.32 软件计算群体间的遗传相似度 (F) 和遗传距离 (D) (Nei & Li, 1979)。UPGMA (Un-

weighted Pair-Group Method with Arithmetic Means) 系统树由 PHYLIP 3.5 软件构建。

2 结果

根据个体间扩增产物的一致性, 从 40 个 10 bp 随机引物中选取 20 个, 对小黄鱼 5 个群体的遗传多样性进行分析。每个引物扩增出 4 (S113) ~ 10 (S112, S121, S122, S127) 个可辨认的片段, 共记录 145 个片段, 其中 132 个 (91.03%) 显多态性。每个引物均扩增出多态片段, 多态位点百分率 (50% ~ 100%) 因引物而异。多态位点百分率也因群体而异, 波动在 42.07% (群体 B) ~ 69.66% (群体 A) 之间 (表 2)。图 2 例举了引物 S135 对所有个体扩增产物的电泳图谱。

利用 Shannon 多样性指数对 20 个引物所检测到的表型频率进行遗传多样性分析(表 3),群体的遗传多态度(H_0) 范围在 1.50 ~ 2.44 之间,平均遗传多态度(H_{pop}) 为 1.93,遗传多态度总量(H_{sp}) 为 2.80。由 H_{pop}/H_{sp} 比值可见,引物 S125 和 S140 分

别检测出群体内的最大和最小遗传变异(H_{pop}/H_{sp} 分别为 0.84 和 0.28),群体内的遗传变异均值为 0.69;而群体间的遗传变异($(H_{sp} - H_{pop})/H_{sp}$ 平均为 0.31。

表 2 选取的 20 个随机引物的扩增产物数量

Table 2 Amplification products of the 20 arbitrary primers used in the study

引物 Primer	引物序列(5-3) Sequences of primers (5-3)	位点总数 Total no. of RAPD loci	多态位点总数 Total no. of polymorphic loci	各群体的多态位点数 No. of polymorphic loci in each stock				
				A	B	C	D	E
S101	GGTCGGAGAA	9	9	7	4	1	5	4
S102	TCGGACGTGA	7	7	6	1	3	4	2
S104	GGAAATCGCC	8	8	5	6	4	6	4
S112	ACGCGCATGT	10	10	8	4	6	9	7
S113	GACGCCACAC	4	4	3	2	4	4	3
S114	ACCAAGTTGG	6	3	2	1	3	0	2
S117	CACTCTCCTC	4	3	3	2	1	1	1
S121	ACGGAATCCCT	10	9	7	5	5	5	2
S122	GAGGATCCCT	10	8	7	4	2	5	4
S123	CCTGATCACC	8	7	6	4	6	6	6
S125	CCGAAATCCC	6	5	3	1	2	3	0
S126	GGGAAATTCGG	5	5	4	1	0	4	3
S127	CCGATATCCC	10	10	9	6	6	10	7
S128	GGGATATCGG	6	5	5	0	2	5	3
S129	CCAAGCTTCC	9	7	3	2	3	3	5
S135	CCAGTACTCC	6	6	4	2	4	6	4
S136	GGAGTACTGG	8	8	4	2	4	7	6
S137	AACCCGGGAA	5	5	4	4	1	4	2
S139	CCTCTAGACC	7	6	5	5	2	4	4
S140	GGTCTAGAGG	7	7	6	5	4	6	6
合计 Total		145	132	101	61	63	97	75
多态位点百分率(%) Percentage of polymorphic loci			91.03	69.66	42.07	43.45	66.90	51.72

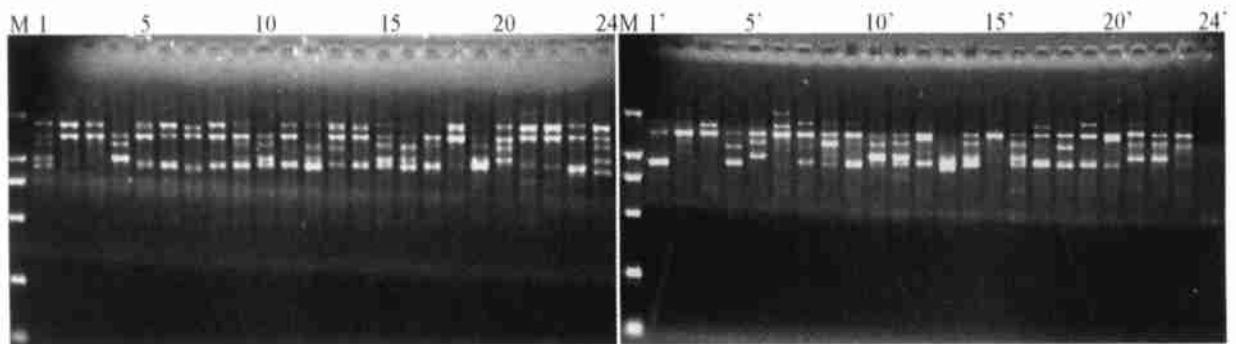


图 2 引物 S135 对小黄鱼 5 个群体(A~E) RAPD 电泳图谱

Fig. 2 Amplification of genomic DNA from five stocks of *P. polyactis* with primer S135

M:DL2000;群体 A:1~10;群体 B:11~16;群体 C:17~24;群体 D:1'~15';群体 E:16'~24'

M:DL2000;Stock A:1~10;Stock B:11~16;Stock C:17~24;Stock D:1'~15'; Stock E:16'~24'

表 3 由 Shannon 多样性指数估计的遗传多样性在小黄鱼群体内和群体间的分布

Table 3 Partition of the genetic diversity within and among stocks of *P. polyactis* estimated by Shannon index

引物 Primer	H_0					H_{pop}	H_{sp}	H_{pop}/H_{sp}	$(H_{sp}-H_{pop})/H_{sp}$
	A	B	C	D	E				
S101	2.82	2.33	0.24	1.90	1.44	1.75	2.46	0.71	0.29
S102	3.22	0.30	1.51	1.64	0.86	1.51	2.35	0.64	0.36
S104	2.81	3.10	2.32	2.87	2.08	2.63	3.84	0.69	0.31
S112	4.45	2.11	2.02	4.43	3.90	3.38	4.88	0.69	0.31
S113	2.06	1.15	2.64	2.40	2.01	2.05	2.57	0.80	0.20
S114	0.83	0.48	0.99	0.00	0.84	0.63	0.79	0.80	0.20
S117	1.48	1.28	0.65	0.66	0.64	0.94	1.20	0.78	0.22
S121	3.25	2.43	2.09	2.30	1.11	2.23	3.69	0.61	0.39
S122	2.52	1.36	1.16	2.05	1.44	1.71	2.45	0.70	0.30
S123	2.63	2.44	2.86	2.51	2.85	2.66	3.31	0.80	0.20
S125	1.03	0.30	0.63	1.29	0.00	0.65	2.30	0.28	0.72
S126	1.35	0.68	0.00	1.68	1.54	1.05	1.60	0.66	0.34
S127	4.67	2.92	2.58	4.78	3.84	3.76	5.07	0.74	0.26
S128	2.23	0.00	0.89	1.64	1.49	1.25	2.04	0.61	0.39
S129	1.09	0.89	1.46	1.16	2.80	1.48	2.46	0.60	0.40
S135	2.47	0.30	2.32	2.94	2.32	2.07	3.11	0.66	0.34
S136	1.30	0.97	1.64	2.95	2.25	1.82	2.73	0.67	0.33
S137	2.40	2.26	0.39	1.59	1.37	1.60	2.18	0.74	0.26
S139	3.18	2.92	1.09	1.80	2.20	2.24	3.27	0.68	0.32
S140	2.93	2.53	2.52	3.80	3.70	3.10	3.66	0.84	0.16
均值 Mean	2.44	1.54	1.50	2.22	1.93	1.93	2.80	0.69	0.31

H_0 为各群体的遗传多态度, H_{pop} 为平均群体内的遗传多态度, H_{sp} 为所研究的种类 n 个群体的遗传多态度总量, H_{pop}/H_{sp} 和 $(H_{sp}-H_{pop})/H_{sp}$ 分别为群体内和群体间遗传多态度所占的比例

H_0 represents the genetic diversity in each stock; H_{pop} represents the average diversity over the n different stocks; H_{sp} is the diversity of all the stocks considered together; H_{pop}/H_{sp} and $(H_{sp}-H_{pop})/H_{sp}$ are the proportions of the genetic diversity within and among stocks, respectively.

表 4 小黄鱼群体间遗传相似度 I(对角线上方)和遗传距离 D(对角线下方)

Table 4 Pairwise similarity coefficient (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) of the five stocks of *P. polyactis*

群体 Stock	A	B	C	D	E
A	***	0.9485	0.9318	0.8969	0.9211
B	0.0529	***	0.9164	0.8915	0.9045
C	0.0706	0.0873	***	0.8564	0.9093
D	0.1089	0.1149	0.1550	***	0.9626
E	0.0822	0.1003	0.0951	0.0381	***

可见,近 70% 的遗传变异是在群体内检测到的。

表 4 列出了小黄鱼 5 个群体间的遗传相似度 (I) 与遗传距离 (D)。结果显示,遗传相似度最小为 0.8564 (群体 C-D), 最大为 0.9626 (群体 D-E), 平均 0.9139; 遗传距离在 0.0381 ~ 0.1550 之间 (平均 0.0861)。

对 RAPD 数据进行聚类分析, 构建了小黄鱼的 UPGMA 系统树 (图 3)。5 个群体分别聚在 3 个主要簇群中, 簇 包括群体 D 和 E, 最先聚类; 群体 C 单独成簇, 与群体 A 和 B 构成的聚类簇 关系较近。

3 讨论

20 个随机引物共检测到 145 个位点, 其中多态位点 132 个, 多态位点百分率高达 91.03% (表 2), 这充分说明了 RAPD 检测方法的高度灵敏性。通过横向比较 RAPD 检测到的其他海洋鱼类的多态位点百分率发现, 小黄鱼 (*P. polyactis*) 不仅比同属于石首鱼科的鱚状黄姑鱼 (*Nibea miichthioies*) 养殖群体要高很多, 而且比其他一些海洋鱼类, 例如梭鱼 (*Liza haematocheila*)、条纹鲈 (*Morone saxatilis*)、真鲷 (*Pagrus major*) 的野生或养殖群体都要高 (表 5), 说

表 5 用 RAPD 方法研究不同鱼类的多态位点百分率的结果比较

Table 5 Comparison of percentage of polymorphic loci (P) among different fish species by RAPD analysis

种名 Species	多态位点百分率(%) Percentage of polymorphic loci		参考文献 References
	野生群体 Wild stock	养殖群体 Cultivated stock	
小黄鱼 <i>Pseudosciaena polyactis</i>	91.03		本研究
梭鱼 <i>Liza haematocheila</i>	85.71	83.93	权洁霞等,2000
条纹鲈 <i>Morone saxatilis</i>	63.38		Bielawski & Pumo,1997
真鲷 <i>Pagrus major</i>	62.6	54.47	孟宪红等,2000
鳎状黄姑鱼 <i>Nibea miichthioies</i>		15.32	丁少雄等,1998

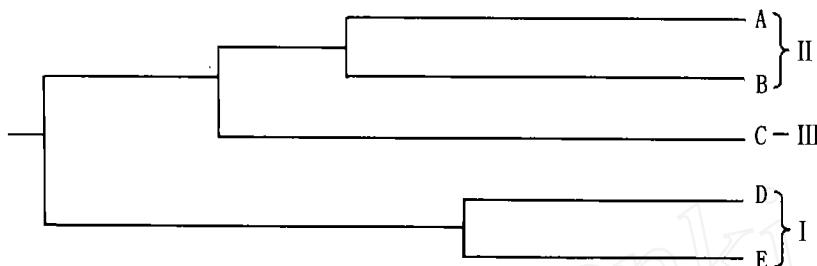


图 3 小黄鱼群体间 UPGMA 系统树

Fig. 3 UPGMA dendrogram of the five stocks of *P. polyactis*

明小黄鱼具有丰富的遗传多样性水平,除了种类差异外,可能与小黄鱼的广布性及其栖息地多样性有关。此外,不象鳎状黄姑鱼、梭鱼等其他增养殖鱼类,小黄鱼尚无人工养殖或种苗放流增殖历史,从而避免了影响群体遗传多样性的瓶颈效应、遗传漂变和近亲杂交等因素(Kirsten & Jenny, 1993; Welsh & McClelland, 1990)。

从遗传学角度,一个物种的遗传多样性高低与其适应能力、生存能力和进化潜力密切相关。遗传多样性的降低可导致其适应能力降低、有害隐性基因表达增加及经济性状衰退,最终导致物种退化。丰富的遗传多样性则意味着比较高的适应生存能力,蕴涵着比较大的进化潜能以及比较丰富的育种和遗传改良能力。分析结果表明,尽管曾因遭受到过度捕捞造成资源衰退,小黄鱼仍然保持了较为丰富的遗传多样性,说明小黄鱼是一种具有较强适应能力、生存能力和进化潜力的海洋鱼类。值得指出的是,由于过度捕捞,特别是捕捞大个体的高龄鱼,选择压力已经引起了小黄鱼的种群结构简单化和经济性状的衰退,表现为小黄鱼个体小型化、低龄化和性成熟提前。因此,恢复小黄鱼的多龄种群结构是资源保护的基础。

遗传变异有一定的大小和分布格局,种内遗传变异可以分为群体内和群体间的变异,保持这两种变异可以最大限度地降低地理群体的灭绝几率,维持物种的稳定(Hedrick & Miller, 1992)。本文对这

两种变异进行了分析,从遗传多样性的分布可见,有 69% 的遗传变异源于群体内,31% 源于群体间。用 Shannon 多样性指数对长江水系的鲢 (*Hypophthalmichthys molitrix*) 和草鱼 (*Ctenopharyngodon idellus*) 4 个地理群体的 RAPD 资料分析表明,鲢 87.7% 的遗传多样性来源于群体内,12.3% 来源于群体间,群体间的遗传分化很小;草鱼 82.5% 的遗传多样性来源于群体内,群体间的遗传分化略高于鲢,为 17.5% (张四明等, 2001);对梭鱼野生群体和养殖群体进行 RAPD 检测分析表明,群体内遗传多样性高达 91.86%,群体间的遗传分化很小,只有 8.14%。不难看出,尽管东海和黄海的小黄鱼不同群体的越冬场具有一定的独立性和连贯性,存在基因交流现象,但彼此间的遗传分化较之上述 3 种鱼类高得多。

较高的群体间遗传分化反映了东、黄海小黄鱼存在不同的地理群系。关于小黄鱼的群体划分用形态学和生态学方法曾作过较多研究,林新濯(1964)根据小黄鱼的分布特征和脊椎骨、背鳍、臀鳍、鳃耙、幽门盲囊和腭支管等分节特征将东、黄、渤海的小黄鱼分为 3 个不同的地理族;有些学者(王贻观等, 1965;刘效舜,1990)则根据小黄鱼产卵场和越冬场的分布及其洄游路线,将东、黄、渤海小黄鱼划分为

权洁霞. 2000. 梭鱼和中国对虾的遗传多样性以及对虾总科十二种虾的分子系统进化. 青岛海洋大学博士论文

3 个独立群系,即黄渤海群、南黄海群和东海群。本文从基因组 DNA 变异水平上对东、黄海小黄鱼进行种群划分,结合采样地理位置(图 1),UPGMA 系统树(图 3)分析结果,由北向南把小黄鱼 5 个群体 48 个个体分为 3 个群系:北部群系(群体 A 和 B)、中部群系(群体 C)和南部群系(群体 D 和 E),这与以上用形态学和生态学方法得出的东、黄海小黄鱼存在 3 个地理群系的结论相一致。

参考文献

- Bardacki F. and Skibinski D. O. F. 1994. Application of the RAPD technique in *Tilapia* fish: species and subspecies identification. *Heredity*, **73**: 117 - 123.
- Bielawski J. P. and Pumo D. E. 1997. Randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis of Atlantic coast striped bass. *Heredity*, **78**: 32 - 40.
- Carvalho G. R. and Hauser L. 1994. Molecular genetics and the stock concept in fisheries. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, **4**: 326 - 350.
- Conrad M. 1983. *Adaptability: the Significance of Variability from Molecular to Ecosystem*. Plenum Press, New York.
- Deng J-Y (邓景耀) and Zhao C-Y (赵传耀). 1991. *Marine Fisheries Biology (海洋渔业生物学)*. Agriculture Press, Beijing, 164 - 198. (in Chinese)
- Ding S-X (丁少雄), Wang J (王军), Quan C-G (全成干) and Su Y-Q (苏永全). 1998. Genetic diversity in the hatchery stock of *Nibea miichthioides*. *Chinese Science Bulletin (科学通报)*, **43** (21): 2294 - 2298. (in Chinese)
- Dinesh K. R., Lim T. M., Chua K. L., Chan W. K. and Phang V. P. E. 1993. RAPD analysis: an efficient method of DNA fingerprinting in fishes. *Zoological Science*, **10**: 849 - 854.
- FAO/UNEP. 1981. Conservation of genetic resources of fish: problems and recommendations. In: *Report of the Expert Consultation on the Genetic Resources of Fish*. 9 - 13.
- Hedrick P. W. and Miller P. S. 1992. Conservation genetics: techniques and fundamentals. *Ecological Applications*, **2**: 30 - 46.
- Ihssen P. E., Booker H. E., Casselman J. M., McClade J. M., Payne N. R. and Utter F. M. 1981. Stock identification: materials and methods. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, **38**: 1838 - 1855.
- Jin X-S (金显仕). 1996. Ecology and population dynamic of small yellow croaker (*Pseudosciaena polyactis* Bleeker) in the Yellow Sea. *Journal of Fishery Sciences of China (中国水产科学)*, **3**(1): 32 - 45. (in Chinese)
- Kirsten W. and Jenny P. V. 1993. Rapid detection of genetic variability in *Chrysanthemum* using random primers. *Heredity*, **71**: 335 - 341.
- Lin X-Z (林新濯). 1964. The study on biological measurement of population of small yellow croaker. In: *The Proceedings of Marine Fisheries Resources (海洋渔业资源论文集)*. Agriculture Press, Beijing. (in Chinese)
- Liu X-S (刘效舜). 1990. *The Fisheries Resources Investigation and Division of the Yellow and Bohai Seas (黄渤海区渔业资源调查与区划)*. Ocean Press, Beijing, 191 - 200. (in Chinese)
- Meng X-H (孟宪红), Kong J (孔杰), Zhuang Z-M (庄志猛), Wang W-J (王伟继), Liu P (刘萍). 2000. Genetic diversity in the wild and hatchery populations of red seabream (*Pagrus major*). *Biodiversity Science (生物多样性)*, **8**(3): 248 - 252. (in Chinese)
- Nei M. and Li W. H. 1979. Mathematical model for studying genetical variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, **74**: 5267 - 5273.
- Quan J-X (权洁霞), Dai J-X (戴继勋), Shen S-D (沈颂东), Deng J-Y (邓景耀) and Zhuang Z-M (庄志猛). 2000. Genetic variation analysis of two mullet populations through randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) method. *Acta Oceanologica Sinica (海洋学报)*, **22**(5): 82 - 87. (in Chinese)
- Ryman N. and Utter F. 1987. *Population Genetics and Fisheries Management*. University of Washington Press, Seattle.
- Sambrook J., Fritsch E. F. and Maniatis T. 1989. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (2nd edn.). Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Wachira F. N., Waugh R., Hackett C. A. and Powell W. 1995. Detection of genetic diversity in tea (*Camellia sinensis*) using RAPD markers. *Genome*, **38**: 201 - 210.
- Wang Y-G (王贻观), Ma Z-Y (马珍影) and You H-B (尤洪宝). 1965. The preliminary study on migration and distribution of small yellow croaker (Summary). In: *The Proceedings of Marine Fisheries Resources (海洋渔业资源论文集)*. Agriculture Press, Beijing. (in Chinese)
- Welsh J. and McClelland M. 1990. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research*, **18**: 7213 - 7218.
- Williams J. K. G., Kubelik A. R., Livak K. J., Rafalski J. A. and Tingey S. V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, **18**: 6531 - 6535.
- Zhang S-M (张四明), Deng H (邓怀), Wang D-Q (汪登强) and Yu L-N (余来宁). 2001. Population structure and genetic diversity of silver carp and grass carp from populations of Yangtze River system revealed by RAPD. *Acta Hydrobiologica Sinica (水生生物学报)*, **25**(4): 324 - 330. (in Chinese)

(责任编辑: 时意专)